```
>_ PARP-1                                    3045 nt vs.
>_ SEQ ID NO:1                               3797 nt
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
46.0% identity;          Global alignment score: -507


                      10                20        30
778106 AT-----GGC---GGAGT-----------CTTCGGATAAGCTCTATCGAGTCG-AGTAC-
       :        : :    ::: :        : : :: : : :::: : : ::: : : :::
       CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCT-GTGTCTCACTACA
            10        20        30        40        50


          40          50                     60
778106 --GCCAAG----AGCGG-GCGC--------------GCCTCTTGCA-------------
       : :::       ::: : : ::             :: ::::: :
       TAGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTA
       60        70        80        90        100       110


            70          80        90        100
778106 --AGAAA--TGCAGCGAGAGCA---TCCCCAAGGACT-CGCTCCGGA---TGGCCA----
       :::::   : : : ::::       :    ::::: : :   : ::    : : ::
       GCAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTTGTCACTGT
       120       130       140       150       160       170


          110         120        130              140       150
778106 -TCAT--GGTGCAGTCGCCCATGTTTGA----------TGGAAAAGTCCCACACTGG---
       ::::     :    ::: ::: :          : : :: : :: :
       ATCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTATACTTTGAACA-TCTGAAAATGTATA
       180       190       200       210       220       230


              160         170       180       190       200
778106 --TACCACTTCTCCTG----CTTCTGGAAGGTGGGCCACTCCATCCGGCACCCTGA-CGT
       ::: : : : :       ::   ::  : :::  : ::     ::   : ::  ::: : :
       CATACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAAC---ATTTGA-ACTTTGAGCTT
       240       250       260       270       280       290


          210              220       230       240       250
778106 TGAGG---------TGGATGGGTTCTCTGAGCTTCGGTGGGATGATCAGC--AGAAAGTC
       : ::          :: ::   :::: :::: :: :   : : : ::: : : :: : :
       TCAGTCACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGT-ACCACCCAAGGCACTG
       300       310       320       330       340       350


          260       270       280       290         300
778106 AAGAAG-ACAGCGGAAGCTG-GAGGAGTGACAGGCAAAGGC-----CAGGATGGAATTGG
       : : :: : :  ::: : :::: : :  :   :  ::::     :: : :: ::::
       CTTAGGTACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCC--CTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTTGG
          360       370       380       390       400       410


          310     320       330         340       350         360
778106 TAGCAAGGCAGAGAAGACTCTGGGTGACT--TTGCAGCAGAGTATGCCAAGT--CCAACA
       :: :: ::::: : : ::: : :::: :::: :    ::::: ::::
       -------GCGGA-AAGACG-TAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAA--
              420       430       440       450       460


          370         380       390       400       410
778106 GAAGTACGTGC--AAGGGG---TGTATGGAGAAGATAGAAAAGGGCCAGGTGCGCCTGTC
       : ::::::  : :::: :   :     :::   : : :   ::  : ::
       ---GCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCT
              470       480       490       500       510


          420         430       440       450       460
778106 CAAGAAGA-------TGGTG-GACCCGGAGAAG---CCACAGCTAGGCATGATTG-ACC
       ::: ::    : ::  : ::::   ::::  :: :  :: : :::::  :
       GAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAAT
```

```
              520        530        540        550        560        570

          470        480        490        500        510        520
778106 GCTGGTACCATCCAGGCTGCTTTGTCAAGAACAGGGAGGAGCTGGGTTTCCGGCCCGAGT
          :   :  : :::::  :    :::     :::  : ::: : ::    :::: :
        TATACTCCTCTCCATGAAGCTG---CAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGC---------
          580        590        600        610        620

              530        540        550        560        570        580
778106 ACAGTGCGAGTCAGCTCAAGGGCTTCAGCC-----TCCTTGCTACAGAGGATAAAGA-AG
          :  :::: :: :  :: :: :  : ::::      ::::::  : :: :: ::
        ATTGTGCT-GTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGG-AAGGACAG
          630        640        650        660        670        680

                  590                 600        610        620        630
778106 CCCTGAAGA-AGCAGCTCCC--------AGGAGTCAAGAGTGAAGGAAAGAGAAAAGGCG
          :  :: :  :::::: :::           :: :::    : ::  : :: : :::: :
        CATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATG
          690        700        710        720        730        740

              640        650        660                 670
778106 ATGAGGTGGATGGAGTGGATGAAGTGGCGAAGAAGAAA----------TCTAAAAA----
          :     : ::   ::::   :  ::::::  : ::::::::     ::::    :
        AACTCTTAGAA--AGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACC
          750        760        770        780        790        800

          680        690        700        710        720        730
778106 AGAAAAAGACAA--GGATAGTAAGCTTGAAAAAGCCCTAAAGGCTCAGAACGACCTGATC
          :  ::: : :::  :    : ::: :::     : : :::: :::    : :     ::
        ATTAAATGTCAACTGCCACGCAAG--TGA---TGGCAGAAAG--TCAACTCCATTACATT
          810        820        830        840        850

              740        750        760        770        780        790
778106 TGGAACATCAAGGACGAGCTAAAGAAAGTGTGTTCAACT---AATG--ACCTGAAGGAGC
          :::  :: :: :    : : :  :::: ::: :: ::  : ::  :: :: :: :
        TGG--CAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGA
          860        870        880        890        900        910

              800        810        820        830        840
778106 TACTCATCTTCAACAAGCAG-----CAAGTGCCTTCTGGGGAGTCGGCGATCTT--GGAC
          :   ::: : :: : ::        :  :: :: : :       : :    : :::: :: :
        TGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCAT-TACACAATGCCTGTTCTTATGGTC
          920        930        940        950        960        970

                  850        860        870        880        890
778106 CG-----AGTAGCCGATGGCATGGT---GTTCGGTGCCCTCCTTCCCTGCGAGGAATGCT
                 :::: : ::      :::: :  : ::::::    :   :  ::::  : ::
        ATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCC-TGTGTAAATGCAATGGA--CT
          980        990        1000       1010       1020

          900                910        920        930        940        950
778106 CGGGTCAG----CTGGTCTTCAAGAGCGATGCCTATTACTGCACTGGGGACGTCACTGC-
          : : ::    ::  :::::::  ::: :  :: :: : :   ::  :  :: ::    : :
        TGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAG-GCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCT
          1030       1040       1050       1060       1070       1080

                  960        970        980        990
778106 CTGGACCAAGTGTATGGTCAAGACACAGACACC---CAACCGG--------AAG------
          ::   : :  :::::::  :::::  :: :::::     ::: :           :::
        .CTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCA-ACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAGTGCTAT
          1090       1100       1110       1120       1130       1140

              1000       1010       1020       1030       1040       1050
778106 -GAGTGGGGTAACCCCAAAGGAATTCCGAGAAATCTCTTACCTCAAGAAATTGAAGGTTAA
          ::  :  :: :: ::  ::     :  ::   :::::   :::  : : ::: :: :::: :
```

2

```
_       AGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGA--TTAGCATATGAATTTAAAGGCCAC
           1150      1160      1170      1180      1190      1200


                      1060           1070      1080      1090
778106  A---------AAACAGGAC------CGTATATTCCCCC---CAGAAACCAGCGC-CTCCG
           ::  :  : ::       :    :: :: : :     :: ::: :: : : ::: :
_       TCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTG
           1210      1220      1230      1240      1250      1260


               1100      1110           1120      1130      1140
778106  ----TGGCGGC---CACGCCTCCGCCCTCC------ACAGCCTCGGCTCCTGCTGCTGTG
           :::  :      :: ::  ::: :    :      :::: :  :  : :::::::::
_       GAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGC-
           1270      1280      1290      1300      1310      1320


               1150      1160      1170      1180      1190
778106  AACTCC-TCTGCTTCAGCAGATAAGCCATTATCCAACATGAAGATCCTGACTCTCGGGAA
        : :::: : :  ::  ::: :::: : :::      ::::    :::    ::   : ::
_       ATCTCCATATCC--CAAAAGA-AAGCAAATAT-----GTGAA----CTGTTGCTAAGAAA
           1330      1340      1350           1360      1370


        1200      1210      1220      1230      1240      1250
778106  GCTGTCCCGGAACAAGGATGAAGTGAAGGCC--ATGATTGAGAAACTCGGGGGGAAGTTG
           ::: :::  :: ::    :: : : :: :       ::::     : : :: :
_       A-------GGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGG
                      1380      1390      1400      1410      1420


        1260      1270      1280               1290           1300
778106  A--CGGGGACGGCCAACAAGGCTTCCCT----------GTGCATCA-GCACCAAA----A
           : : ::  ::  : :: : :         :        ::: : :: : : ::::  :
_       CATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAAAGGTTA
           1430      1440      1450      1460      1470      1480


            1310      1320                              1330      1340
778106  AGGAGGTGGAAAAGATGAATAAGA------------------AGATGGAGGAAGTAAAG
        : :    :::: ::  :    : :::                   : :: : ::   :  :
_       ATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTAC
           1490      1500      1510      1520      1530      1540


                 1350      1360      1370               1380
778106  GAA------GCCAACATCCGAGTTGTGTCTGAGGACTT-----------CCTCCAGGACG
           ::      ::: ::  : ::: : ::  :: : : :            ::: :::: :
_       AAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCT
           1550      1560      1570      1580      1590      1600


        1390      1400               1410      1420      1430
778106  TCTCCGCCTCCACCAAGAGCCTT---------CAGGAGTTGTTCTTAGCGCACATCTTGT
        :  : :: :  :    : : :    :        ::: :  :: :: :   :::: :
_       TTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCAT
           1610      1620      1630      1640      1650      1660


        1440           1450               1460      1470      1480
778106  CCCCT---TGGGGGGCAGA---------GGTG-AAG--GCAGAGCCTGTTGAAGTTGTGG
           :   :  : :::::::         : :: :::  ::: :: ::: :: :: :
_       TAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAA
           1670      1680      1690      1700      1710      1720


                 1490      1500      1510      1520
778106  CCCCAAGA-----GGGAAGT---CAGGGGCTGCGCTCTCCAAAAAAAGC-AAGGGC----
        :  :: :   . : :: :    ::: : ::    :: :: : : :   ::::::
_       CTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAG--TGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA
           1730      1740      1750      1760      1770      1780


            1530      1540      1550      1560      1570
778106  --------CAGGTCAA---GGAGGAAGGTATCAACAAATCTGAAAAGAGAATGAAATTAA
```

3

```
                :: :::    : ::   ::::: :::: : ::     : :: ::: :
_       GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTAT-AACAGAG-TGTCCGTGG--TGGAAT-AT
              1790      1800      1810      1820      1830

         1580      1590      1600      1610      1620
778106 CTCTTAAAGGA-GGAGCAGCTGTGGATCCT---GATTCTGGA---CTGGAACACTCTGC-
       ::   :: :: :  ::::: : ::: :: :::   :: : :: :: ::: :
_      CTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTAC-CTTTGCA
         1840      1850      1860      1870      1880      1890

           1630      1640          1650               1660
778106 ----GCATGTCCT---GGAGA-----AAGGTGG-GAAGGTCTT-------------CAGT
       :::::::: ::   ::: :      ::: :: ::: ::::         ::::
_      CAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGT
         1900      1910      1920      1930      1940      1950

            1670      1680          1690      1700
778106 -GCCACCCTTG--GCCTGGTGGACAT------CGTTAAAGGAACCAACTCCTAC------
       : :   : : : : :::: ::    : ::: : ::: :: : : :
_      AGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAA
         1960      1970      1980      1990      2000      2010

                 1710     1720      1730           1740
778106 ----------TACAAGCTGCAGCTTC----TGGAGGA----CGAC-AAGGAAAACAGGTA
       : :::: :: : ::: :      ::: : :     : :: ::  ::::::::: :
_      ATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAACAGGGA
         2020      2030      2040      2050      2060      2070

        1750      1760      1770      1780          1790
778106 TTGGA-TATTCA----GGTCCTGGGGGCCG-TGTGGGTACGGT-------GATCGG--TAG
       : : : :: ::    : :: ::     : :: : ::: :      :::: :  :::
_      TGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAG
         2080      2090      2100      2110      2120      2130

             1800      1810      1820          1830
778106 C----AACAAACTGGAACAGATGCCGTCCAAGGAGGAT------GCCATTGAGCA-----
        :     : ::   ::::::: : ::::: ::: :       :::: : : :
_      GGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTG-CCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGAAGAAGT
         2140      2150      2160      2170      2180      2190

        1840              1850          1860      1870
778106 ---CTTC--------ATG-AAATT------ATAT-----GAAGAAA---AAACCGGGAAC
       ::::        ::: ::::::      :::     : ::: :   :: :   ::
_      TGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTAC
         2200      2210      2220      2230      2240      2250

          1880      1890      1900      1910      1920
778106 GCTTGGCAC-----TCCAAAAATTTCACGAAGTATCCCAAAAAGTTCTACCCCCTGGAGA
       :: :::    :  :: :::::  :::::  :  : :  : :::  : : ::::
_      ATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTA--GAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGC
         2260      2270      2280      2290      2300      2310

        1930      1940                          1950
778106 T--TGACTATGGCCAGGATGAAG------------------AGGCAG----------
       : ::   ::: ::: :: :::               : ::::
_      TGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGG
         2320      2330      2340      2350      2360      2370

                 1960      1970      1980      1990
778106 ---------TGAAGAAGCTG-------ACAGTA-AATCC---TGGCA---CCAAGTCCAA
                :: :: :::::   : :::: ::: :  :: ::  ::: :  :::
_      GCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAA
         2380      2390      2400      2410      2420      2430

           2000      2010      2020           2030
```

4

```
778106  ----GCTCCCCAAGCCAGTTCAGGAC-CTCATCAAGATG---------ATCTTTGA----
            :::  : :  ::  : :: ::  :    ::: : :         : :::::
        ATGGGCTTTC-ACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTT
_
           2440      2450      2460      2470      2480      2490


              2040        2050      2060                2070
778106  TGTGGAAAGT--ATGAAG---------------AAAGCCATGGTGGAGTA------TGAG
        ::: : ::   ::: ::                ::: :: : ::: :       : ::
        TGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAG
_
          2500      2510      2520      2530      2540      2550


                2080          2090      2100      2110
778106  ATCGACCTTCAGAAGATG---------CCCTTGGGGAAGCTGAGCAAAAGGCAGATC---
        ::  :  :::::: ::::       : ::: :::  :::  :  :  : :::
        ATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGC--AGCCATGCCCCCATCTGC
_
          2560      2570      2580      2590      2600      2610


        2120      2130              2140    2150      2160
778106  -CAGGCCGCATACTCCA---------TCCTCAGTGAGGTCCAGCAGGCGGTGTCTCAGGG
         : : :: : :  : ::       :  :::: ::  ::  ::  :: :  :   ::  :
        TCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTG-AGAAGCCCAGGAGCCACTG
_
            2620      2630      2640      2650      2660


          2170      2180      2190      2200      2210      2220
778106  CAGCAGCGA-CTCT-CAGATCC-TGGATCTCTCAAATCGCTTTTACACCCTG-ATCCCCC
        :::  ::   :::: ::: ::: :    :: :  :: : :  :: :: :  :
        CAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTG
_
        2670      2680      2690      2700      2710     2720


                2230          2240      2250                2260
778106  ACGACTT---TGGGA----TGAAGAA--GCCTCCGCTCCT-----------GAACAA---
        ::  ::::   :::::    :   :::: : :: :  :  :          :::::
        ACAACTTATCTGGGAGTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGG
_
        2730      2740      2750      2760      2770      2780


                2270      2280                                2290
778106  -TGCAGACAGTGTGCAGGCCAAGGCGGA-------------------------AATGC-
         :::  ::::: :: ::  :::: ::                            ::: :
        GTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTCG
_
        2790      2800      2810      2820      2830      2840


                      2300      2310      2320      2330
778106  ---------------TTGACAACCTGCTGGACATCGAGGTG-GCCTACAGTCTGCTCAGG
                       :::: :::: :::: : :  : : :  ::::    :: :  ::
        TAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGG
_
        2850      2860      2870      2880      2890      2900


          2340      2350      2360      2370                2380
778106  GGAGGGTCTGATGATA----GCAGCAAGGATCCCATCGA---TG---TCAAC---TATG-
         :  :  : ::: :    ::: :::::: :  : ::  ::  :    :::: :    :::: :
        AT-GTATTAGTTGAGATGGGGCA-CAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGG
_
        2910      2920      2930      2940      2950      2960


                2390      2400      2410      2420      2430      2440
778106  --AGAAGCTCAAAACTGACATTAAGGTGGTTGACAGAGAT-TCTGAAGAAGCCGAGATCA
         : : :: :::: :: : :::: : :: : :: ::: :::  ::: :: :: : :: ::
        ACATAGGCACAAA-CTAA--TTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCT
_
          2970      2980      2990      3000      3010      3020


                2450      2460      2470
778106  TCAGGAAGTATGTTAA----GAACAC------TCATGCAACCACAC--------------
         : :  : ::: ::::    :::::: :   :  :: ::: :  :
        TAACCCA-TAT-TTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGATCTGTCT
_
           3030      3040      3050      3060      3070      3080
```

5

```
           2480        2490                              2500        2510
778106 -------ACAATGCGTATGACT---TGGA------------AGT-CA--TCGATATCTT
          :  :: :  :: :  :  :    ::::              ::: ::  :':::  :  :
       CCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCAC
          3090       3100       3110       3120       3130       3140


           2520      ·  2530         2540        2550
778106 TAAGATAGAG--CGTGAAGGCGAA---TGCCAGCGTTACAAGCC-CT-----TTAAGCAG
          ::::: :::  :  ::  :::  : :      :  :  :  ::::::        ::        ::  ::  ::
       AGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTCAGAAG
          3150      '3160       3170       3180       3190       3200


         2560       2570      2580       2590
778106 CTTCATAACCGAAGATTGCTGTGGCACGGGTCCA------GGA----------------
          ::   ::::  ::::   ::  ::: :  :  :  :         :::
       GTTTGTAAC--AAGAAA-CTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAA
          3210       3220       3230       3240       3250


           2600        2610        ·2620        2630
778106 -----CCACCAACTTTGC---TG---GGATCCTGTCCCA-GGGTCTTCG-----GA----
          ::::  :::  :.:        ::    :  :: ::  ::  ::::::  :          ::
       GAAAACCAC-AACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGTGAATGC
        3260       3270       3280·       3290       3300       3310


           2640           2650·       2660        2670        2680
778106 ---TAGCCCC---GCCT-----GAAGCGCCCGTG---ACAGGCTACATGTTTGGTAAAGG
          ::  ::  :    :  ::       :::  :: :  :    :  :::      ::::::::::     ::
       AATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGG
         3320       3330       3340       3350       3360       3370


           2690·       2700        2710        2720        2730        2740
778106 GATCTATTTCGCTGACATGGTCTCCAAGAGTGCCAACTACTGCCATACGTCTCAGGGAGA
          ::  ::::::  ::::::  :          :::::  ::    :  :  :  :        :::  :         ::    ::
       CATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAG--CAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGA
          3380       3390       3400       3410       3420       3430


           2750       2760           2770        2780        2790
778106 CCCAATAGGCTTAATCCTGTT------GGGAGAAGTTGC--CCTTGGAAACATGTA--TG
          :  :  ::   :      ::  :::      :    :::    :::     :  ::  :     :::  :  :      ::
       GGTACTGGGTGT---CCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGGCAGCTG
        3440       3450       3460       3470       3480       3490


           2800        2810        2820                  2830        2840
778106 AACTGAAGCACGCTTCACATATCAGCAAGT--TACC--CA----AGGGCAAGCACAGTGT
          ::      ::  ::  :  ::  ::     :  :::::    :  :  ::::        :
       CTCTTTTGC-CGGGTAACCT-TGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGG
          3500·       3510       3520       3530       3540       3550


           2850        2860        2870                        2880
778106 CAAAGGTTT-----GGGCAAAACTAC--CCCTGAT---CCTTCAG----------CTAAC
          ::  :      :       ::  ::   :::     :  :::   :     ::. :::            :::  :
       CACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCC--CAGTGTAAATGGCCTAGC
          3560 ·       3570       3580       3590       3600


           2890        2900        2910        2920        2930        2940
778106 ATTAGTCTGGATGGTGTAGACGTTCCTCTTGGGACCGGGATTTCATCTGGTGTGAATGAC
          :::::: :::  ::        ::        ::  :      :: :::  ::    :::   :  ::    :  :
       ATTAG-CTGAATATGTTAT---TTACAGAGGAGAACAGGCTT--ATCCTGAGTATTTAAT
          3610       3620       3630       3640       3650       3660


           2950        2960        2970        2980        2990
778106 ACCTCTCTACTATATAACGAGTAC-------ATTGTCTATG---ATATTGCTCAGGTAAA
          ::      :::  :  ::  :  :::      :     ::  :::  :::      :  :  :  :          :::
       TACT---TACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG
             3670       3680       3690       3700       3710       3720
```

6

```
              3000        3010        3020                            3030
778106 TCTGAAGTA--TCTGCTGAAACTGAAAT--TCAA------------------TTTTAAG
           ::  ::    ::   :::::  ::  ::::    ::::                :::::
         A---AACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTTACT
                    3730      3740      3750      3760      3770


              3040
778106 ACCTCCCTGTGGTAA-----
          :  :   :::      ::
         CCTTTGCTGAAAAAAAAAAA
         3780      3790




>_ PARP-1                                      3045 nt vs.
>_ SEQ ID NO:2                                 3816 nt
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
46.3% identity;          Global alignment score: -435


              10          20          30          40
649550 ATGGCGGAGTCTTC------GGATAAGCTCTATCGAGTCGAGTAC-GCCAAGAGCG----
           ::  :    :   :       ::     :::       :   :::   :  ::   :   :  :::
         CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG
                    10          20          30          40          50          60


           50          60                      70          80
649550 --GGCGCGCCTCTTGCAA--------GA-------AATGCAGCGAG---AGCATCCC---
          :::::::  :  :  ::   :             ::          :  :::::  :::    :::   :::
         TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG
                    70          80          90          100         110         120


           90          100                     110         120         130
649550 -CAAGGACTCG----CTCCGGATGGCCA-----------TCATGGTGCAGTCGCCCATGT
          :   :   :  ::       :::::::   ::::               ::    ::  ::  :    ::  :  ::
         CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC
                    130         140         150         160         170         180


                    140         150                      160         170
649550 T-----TGATGGAAAAGTCCCACACTG-----------GTACCACTTCTCCT-GCTTCT
          :         ::  :::       ::   :   :::       :  :  ::::   :  ::  : ::
         TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTCGGGTCGCCGCT
                    190         200         210         220         230         240


                    180         190          200         210         220
649550 G-GAAGGTGGGCCA-CTCCATCCG---GCACC-CTGACGTTGAGGTGGATGGGTTCTCT-
          :  :   ::  :::  ·  :::   :  :::        ::  :::  :  :  :::::     :  :
         GCGCCGGCGGGGGAGCGGCCTGCGCGAGCGCCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGGCCGCCC
                    250         260         270         280         290         300


              230         240                     250         260
649550 --GAGCT-TCGGTGGGATGATCAGCA-----------GAA--AGTCAAGAAGACAGCGGA
          :::::  :   :  :  ::   ::    :  :::             :::   ::::::::::  :  :  :   ::
         GAGAGCTGTTCGAGGCGTG--CCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGG-CTGGTGA
                    310         320         330         340         350


           270         280          290                     300
649550 AGCTGGAGGAG-TGA-CAG--GCAAA-----GGCCAGGA------------TGGAATTGG
          ::   :::  ::  :::  :::    ::  :         ::  :::::                ::  :  ::  :
         CGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCG
         360         370         380         390         400         410


           310          320         330         340         350
649550 TAGCAAG------GCAGAGAAGACTCTGGGTGACT--TTGCAGCAGAGTA-TGCCAA-GT
          ::: :             ::  ::  ::::::  :  :  :::  :   ::::    :::: :   :::  ::  ::
```

7

```
      -         CCGCAGGTTTTGGGCGGA-AAGACG-TAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGT
                420       430        440       450       460        470


              360       370       380       390       400       410
      649550  CCAACAGAAGTACGTGC--AAGGGG---TGTATGGAGAAGATAGAAAAGGGCCAGGTGCG
                ::::   :  : :::::  :  : ::::    :   ::     : :   ::   ::
      -         CCAA-----GCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGT
                        480       490       500       510       520       530


              420        430       440        450       460
      649550  CCTGTCCAAGAAGA--------TGGTG-GACCCGGAGAAG---CCACAGCTAGGCATGAT
                : ::   ::: ::          :  ::  ::: ::  :    :::   :::  :: ::
      -         CATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAAT
                        540       550       560       570       580       590


              470       480       490       500       510       520
      649550  TG-ACCGCTGGTACCATCCAGGCTGCTTTGTCAAGAACAGGGAGGAGCTGGGTTTCCGGC
                ::  :    : : :   :::::  :  :::     :::  : :::  : ::     :::: :
      -         TGGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTG---CAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGC---
                        600       610        620       630        640


              530       540       550            560       570
      649550  CCGAGTACAGTGCGAGTCAGCTCAAGGGCTTCAGCC-----TCCTTGCTACAGAGGATAA
                 :  ::::  :: :   :: ::   :  : ::::      :::   ::::::  :   ::
      -         ------ATTGTGCT-GTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGG-AA
                      650       660       670       680        690


              580       590          600       610       620
      649550  AGA-AGCCCTGAAGA-AGCAGCTCCC--------AGGAGTCAAGAGTGAAGGAAAGAGAA
                ::  :::  :: :     ::::::  :::       :: :::   : ::   : : :  :
      -         GGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGA
                700       710       720       730       740       750


              630       640       650       660            670
      649550  AAGGCGATGAGGTGGATGGAGTGGATGAAGTGGCGAAGAAGAAA----------TCTAAA
                ::: ::    : ::  ::::   : ::::::: : :::::::::          ::::
      -         AAGATGAACTCTTAGAA--AGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACT
                760       770        780       790       800       810


                680       690       700       710       720
      649550  AA----AGAAAAAGACAA--GGATAGTAAGCTTGAAAAAGCCCTAAAGGCTCAGAACGAC
                :    :  ::: : :::  :    : :::  :   : :  :::: :::   : :
      -         CACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAG--TGA---TGGCAGAAAG--TCAACTCCAT
                820       830        840        850        860


            730       740       750       760       770       780
      649550  CTGATCTGGAACATCAAGGACGAGCTAAAGAAAGTGTGTTCAACT---AATG--ACCTGA
                ::  :::  :: :: :   : :    : ::::  ::: :: ::    :  :   :: ::
      -         TACATTTGG--CAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGG
                870        880       890       900       910       920


              790       800       810       820       830
      649550  AGGAGCTACTCATCTTCAACAAGCAG-----CAAGTGCCTTCTGGGGAGTCGGCGATCTT
                :: : :   :::  : :: :    ::      : ::  :: ::     : :     : ::::
      -         AGCTGATGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCAT-TACACAATGCCTGTTCTT
                930       940       950       960       970        980


            840       850       860       870       880
      649550  --GGACCG-----AGTAGCCGATGGCATGGT---GTTCGGTGCCCTCCTTCCCTGCGAGG
                :: :       :::::  : ::       ::::    :  : :::::: :   :  ::: : :
      -         ATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCC-TGTGTAAATGCAATG
                        990       1000      1010      1020      1030      1040


            890       900       910       920       930       940
      649550  AATGCTCGGGTCAG-----CTGGTCTTCAAGAGCGATGCCTATTACTGCACTGGGGACGTC
```

8

```
        :  :: : : ::      ::  :::::::: ::: :  :: : : :     ::  :  :: ::
        GA--CTTGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAG-GCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTA
           1050     1060     1070     1080     1090     1100


         950      960      970      980      990
649550 ACTGC-CTGGACCAAGTGTATGGTCAAGACACAGACACC---CAACCGG--------AAG
        : : :  :    ::::::: :::: :: :::::     ::: :          :::
        TGTTCTCTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCA-ACACTGCTCAATTGTCACAATAAAAG
           1110     1120     1130     1140     1150


                  1000     1010     1020     1030     1040
649550 -------GAGTGGGTAACCCCAAAGGAATTCCGAGAAATCTCTTACCTCAAGAAATTGAA
           :: : ::   :: ::   : ::  :::::  ::: :  : ::: :: ::
        TGCTATAGACTTGGCTCCCACACCACAGTTAAAAGAAAGA--TTAGCATATGAATTTAAA
         1160     1170     1180     1190     1200     1210


         1050             1060          1070          1080
649550 GGTTAAA---------AAACAGGAC------CGTATATTCCCCC---CAGAAACCAGCGC
        ::  :            :: : :: : :   :   :: :: ::    :: ::: :: :: :
        GGCCACTCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTC
         1220     1230     1240     1250     1260     1270


         1090          1100          1110          1120          1130
649550 -CTCCG----TGGCGGC---CACGCCTCCGCCCTCC------ACAGCCTCGGCTCCTGCT
         ::: :      ::: :     :: :: ::: :  :      ::::: : : :   ::::
        TCTCTGGAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCT
         1280     1290     1300     1310     1320     1330


           1140     1150     1160     1170     1180     1190
649550 GCTGTGAACTCC-TCTGCTTCAGCAGATAAGCCATTATCCAACATGAAGATCCTGACTCT
        ::::: : :::::  : : :   ::  :::  :::::  :  :::     ::::    ::: :   ::
        GCTGC-ATCTCCATATCC--CAAAAGA-AAGCAAATAT-----GTGAA----CTGTTGCT
         1340     1350     1360     1370               1380


         1200     1210     1220     1230     1240     1250
649550 CGGGAAGCTGTCCCGGAACAAGGATGAAGTGAAGGCC--ATGATTGAGAAACTCGGGGGG
        : ::      ::: :::  :: ::      :: : :  : :: :       ::::      :
        AAGAAAA-------GGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGC
         1390            1400     1410     1420     1430


             1260     1270     1280             1290
649550 AAGTTGA--CGGGGACGGCCAACAAGGCTTCCCT----------GTGCATCA-GCACCAA
        : :: :   : :: :: : ::     : : :      : ::    ::: :: : :: :   :
        ACGTGGCATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAAACATGAAGCAA
         1440     1450     1460     1470     1480     1490


         1300     1310     1320                            1330
649550 A----AAGGAGGTGGAAAAGATGAATAAGA-----------------AGATGGAGGAA
        :     ::: :  :::: :: :::  : : :::                 : :: : ::
        AGGTTAATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTC
         1500     1510     1520     1530     1540     1550


         1340          1350     1360     1370
649550 GTAAAGGAA------GCCAACATCCGAGTTGTGTCTGAGGACTT-----------CCTCC
        :  :  ::       ::: ::  : ::: :: :  :: : :            ::: :
        ATCTACAAACCTGCCGCCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTC
         1560     1570     1580     1590     1600     1610


         1380     1390     1400            1410     1420
649550 AGGACGTCTCCGCCTCCACCAAGAGCCTT---------CAGGAGTTGTTCTTAGCGCACA
        ::: : :  : :: :     : : :       :     ::: :  : :: :: : :
        AGGGCTTTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTA
         1620     1630     1640     1650     1660     1670


          1430     1440          1450              1460     1470
```

```
649550 TCTTGTCCCCT---TGGGGGGCAGA---------GGTG-AAG--GCAGAGCCTGTTGAAG
       ::: :     :     :   : ::::::      : :: :::  ::: :: ::: :: :
       TCTCATTAGGTAATTCAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATG
_
        1680      1690      1700      1710      1720      1730

          1480      1490      1500      1510      1520
649550 TTGTGGCCCCAAGA-----GGGAAGT---CAGGGGCTGCGCTCTCCAAAAAAAGC-AAGG
       : :   :   :: :      : : :    ::: : ::    :: :: : : :    ::::
       TCGAAACTGTAAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAG--TGTCAACTGCAGAGACATTGAAGG
_
         1740      1750      1760      1770      1780      1790

                 1530      1540      1550      1560      1570
649550 GC------------CAGGTCAA---GGAGGAAGGTATCAACAAATCTGAAAAGAGAATGA
       ::            ::  :::    : ::  ::::: :::: : :  : :: ::  :
       GCGTCAGTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTAT-AACAGAG-TGTCCGTGG--TGG
_
          1800      1810      1820      1830      1840      1850

               1580      1590      1600      1610      1620
649550 AATTAACTCTTAAAGGA-GGAGCAGCTGTGGATCCT---GATTCTGGA---CTGGAACAC
       ::: : ::  :: :: :  :::::: : :::: :: :    :::  :::   :: : :: :
       AAT-ATCTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTAC-C
_
               1860      1870      1880      1890      1900

               1630      1640            1650
649550 TCTGC-----GCATGTCCT---GGAGA-----AAGGTGG-GAAGGTCTT-----------
       : :::     ::::::: ::   ::: :      ::: :: :::  ::::
       TTTGCACAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTGCAGAACTTCTTGTTAAACATGG
_
          1910      1920      1930      1940      1950      1960

          1660      1670      1680          1690      1700
649550 --CAGT-GCCACCCTTG--GCCTGGTGGACAT------CGTTAAAGGAACCAACTCCTAC
         ::::: : :   : :   : :   ::::: ::      : ::: : ::: :: :   : :
       AGCAGTAGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAA
_
          1970      1980      1990      2000      2010      2020

                          1710      1720      1730      1740
649550 ------------------TACAAGCTGCAGCTTC----TGGAGGA----CGAC-AAGGAAAA
                         : ::: :: : ::: :   ::: : :    : :: ::  ::::
       AGGAAAATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAAA
_
          2030      2040      2050      2060      2070      2080

          1750          1760      1770      1780
649550 CAGGTATTGGA-TATTCA----GGTCCTGGGGCCG-TGTGGGTACGGT-------GATCG
       :::: :: : : :: ::      : :: ::     : :: : ::: :        ::::
       CAGGGATGGAAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCT
_
         2090      2100      2110      2120      2130      2140

       1790          1800      1810      1820          1830
649550 G--TAGC----AACAAACTGGAACAGATGCCGTCCAAGGAGGAT------GCCATTGAGC
       :   :::     :    : ::    :::::: : ::::: ::: :        :::: : :
       GCTTAGGGGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTG-CCAAGAAGGGTTGTTTAGCCAGAGTGA
_
       2150      2160      2170      2180      2190      2200

                 1840                1850                1860
649550 A--------CTTC--------ATG-AAATT------ATAT-----GAAGAAA---AAACC
        .:           ::::         :::  :::::         :::      : ::: :    :: :
       AGAAGTTGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACAC
_
         2210      2220      2230      2240      2250      2260

          1870      1880          1890      1900      1910      1920
649550 GGGAACGCTTGGCAC-----TCCAAAAATTTCACGAAGTATCCCAAAAAGTTCTACCCCC
       ::  :: :: :::     :   : ::  ::::: :::::  : :    :    :  : ::  :
       CTTTACATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTA--GAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACA
_
         2270      2280      2290      2300      2310      2320
```

10

```
              1930      1940                                    1950
649550 TGGAGAT--TGACTATGGCCAGGATGAAG--------------------AGGCAG----
       :::: :  ::  ::: ::: ::  :::                     : ::::
  _    CGGAGCTGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATC
       2330      2340      2350      2360      2370      2380

                          1960      1970      1980
649550 ---------------TGAAGAAGCTG-------ACAGTA-AATCC---TGGCA---CCAA
                      :: :: ::::       : :::::  ::: :  :: ::   :::
  _    TTACGGGCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCAC
       2390      2400      2410      2420      2430      2440

           1990            2000      2010      2020            2030
649550 GTCCAA----GCTCCCCAAGCCAGTTCAGGAC-CTCATCAAGATG---------ATCTTT
       :  :::    :::  : : ::  : ::  :::     ::: : :        : ::::
  _    GGACAAATGGGCTTTC-ACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAAGGGACGAACACAGCTTT
       2450      2460      2470      2480      2490      2500

               2040                  2050      2060
649550 GA----TGTGGAAAGT--ATGAAG---------------AAAGCCATGGTGGAGTA----
       :     ::: :  ::   ::: ::                ::: :: :  ::: :
  _    GTGCTTTGTTGCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACAC
        2510      2520      2530      2540    2550      2560

           2070      2080              2090      2100      2110
649550 --TGAGATCGACCTTCAGAAGATG---------CCCTTGGGGAAGCTGAGCAAAAGGCAG
        : :::::  :  :::::  ::::       : ::: :  :::  ::: :    :
  _    CTTTAGATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGC--AGCCATGCCCCC
        2570      2580      2590      2600      2610     2620

               2120      2130                  2140      2150      2160
649550 ATC----CAGGCCGCATACTCCA---------TCCTCAGTGAGGTCCAGCAGGCGGTGTC
       :::     : : :: : :  : ::         : ::::: ::  ::  :: :: :   :
  _    ATCTGCTCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTG-AGAAGCCCAGGAG
         2630      2640      2650      2660      2670      2680

               2170      2180      2190      2200      2210
649550 TCAGGGCAGCAGCGA-CTCT-CAGATCC-TGGATCTCTCAAATCGCTTTTACACCCTG-A
        ::  :::::  : : :  :::: ::: ::: :  : : : ::  :::: :::  : ::  :
  _    CCACTGCAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCA
         2690      2700      2710      2720      2730      2740

        2220      2230                  2240      2250
649550 TCCCCCACGACTT---TGGGA----TGAAGAA--GCCTCCGCTCCT-----------GAA
       :     ::  :::: :   :::::     :   : ::::  :: :  :  :                :::
  _    GTCTTGACAACTTATCTGGGAGTTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAA
         2750      2760      2770      2780      2790      2800

        2260          2270      2280
649550 CAA----TGCAGACAGTGTGCAGGCCAAGGCGGA------------------------
       ::      :::    :::: :: ::    :::: ::
  _    CAGAGGGTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTC
         2810      2820      2830      2840      2850      2860

        2290                      2300      2310      2320      2330
649550 AATGC----------------TTGACAACCTGCTGGACATCGAGGTG-GCCTACAGTCTG
       ::: :                 ::::  ::::  :::: ::    : :     ::::
  _    AATTCGTAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCA
         2870      2880      2890      2900      2910      2920

            2340      2350          2360      2370
649550 CTCAGGGGAGGGTCTGATGATA----GCAGCAAGGATCCCATCGA---TG---TCAAC--
       :: ::   :  :   : ::: :-    :::  ::::::  :  :    ::     ::::
  _    CTTTGGAT-GTATTAGTTGAGATGGGGCA-CAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGC
         2930      2940      2950      2960      2970      2980
```

11

```
          2380      2390       2400      2410      2420      2430
649550 -TATG---AGAAGCTCAAAACTGACATTAAGGTGGTTGACAGAGAT-TCTGAAGAAGCCG
        ::::     : : ::  ::::: :: :   :::: :  :: :: ::: :  :::    ::   :
        TTATGGACATAGGCACAAA-CTAA--TTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACA
                 2990      3000      3010      3020      3030

           2440      2450      2460           2470
649550 AGATCATCAGGAAGTATGTTAA----GAACAC------TCATGCAACCACAC-------
        :: :: : :  : ::: ::::   ::::::     :  :: ::: : :
        AGGTCTTAACCCA-TAT-TTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGAT
         3040      3050      3060      3070      3080      3090

                      2480      2490            2500
649550 -------------ACAATGCGTATGACT---TGGA------------AGT-CA--TCGA
                    : :: :: : : :    ::::            ::: :: :: ::::
        CTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGA
          3100      3110      3120      3130      3140      3150

           2510      2520      2530      2540      2550
649550 TATCTTTAAGATAGAG--CGTGAAGGCGAA---TGCCAGCGTTACAAGCC-CT-----TT
        : :      :::: :::  : :: ::: : :   : : :  : ::::: :::        ::
        GAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATT
         3160      3170      3180      3190      3200      3210

           2560      2570      2580      2590
649550 AAGCAGCTTCATAACCGAAGATTGCTGTGGCACGGGTCCA------GGA-----------
        :: :: :: :::: :::: :::    :: ::: :  : : ::      :::
        CAGAAGGTTTGTAAC--AAGAAA-CTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTT
          3220      3230      3240      3250      3260      3270

                      2600      2610      2620      2630
649550 -----------CCACCAACTTTGC---TG---GGATCCTGTCCCA-GGGTCTTCG-----
                   :::: :::  :::    ::   : :: :: :  :: :::::: :
        TCTGAAGAAAACCAC-AACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTCATGGGTCTCCTTTTGT
            3280      3290      3300      3310      3320      3330

                       2640          2650      2660      2670
649550 GA-------TAGCCCC---GCCT-----GAAGCGCCCGTG---ACAGGCTACATGTTTGG
        ::         :: :: :   : ::     ::: :: : :    : :::     :::::::::
        GAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGG
          3340     3350      3360      3370      3380      3390

           2680      2690      2700      2710      2720      2730
649550 TAAAGGGATCTATTTCGCTGACATGGTCTCCAAGAGTGCCAACTACTGCCATACGTCTCA
        :: :: ::::: ::::: :      ::::: ::  : : ::         ::: :
        AGCTGGCATTTATTTTGCTGAAAACTCTTCCAAAAG--CAATCAATATGTATATGGAATT
                 3400      3410      3420      3430      3440

           2740      2750      2760          2770      2780
649550 GGGAGACCCAATAGGCTTAATCCTGTT------GGGAGAAGTTGC--CCTTGGAAACATG
        :: ::    : : ::  :    :: :::        :  :::  :::   :: :  ::: :
        GGAGGAGGTACTGGGTGT---CCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTTGCCACAGG
          3450      3460      3470      3480      3490      3500

           2790      2800      2810      2820           2830
649550 TA--TGAACTGAAGCACGCTTCACATATCAGCAAGT--TACC--CA----AGGGCAAGCA
        :  ::  ::    :: :: : :: : :   : ::::  : ::  ::      :: ::::  :
        CAGCTGCTCTTTTGC-CGGGTAACCT-TGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGA
         3510      3520      3530      3540      3550      3560

           2840      2850      2860      2870
649550 CAGTGTCAAAGGTTT-----GGGCAAAACTAC--CCCTGAT---CCTTCAG--------
        : ::: :: ::   :     :: :: ::::   : ::: :   ::  :::
        AAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCC--CAGTGTAAATGG

                                    12
```

```
           3570        3580        3590        3600        3610        3620

        2880      2890      2900      2910      2920      2930
649550  -CTAACATTAGTCTGGATGGTGTAGACGTTCCTCTTGGGACCGGGATTTCATCTGGTGTG
         ::: ::::::: ::: ::       ::      :: :     : :: : :: ::   ::: : ::
        CCTAGCATTAG-CTGAATATGTTAT---TTACAGAGGAGAACAGGCTT--ATCCTGAGTA
            3630        3640        3650        3660        3670

        2940      2950      2960                2970        2980
649550  AATGACACCTCTCTACTATATAACGAGTAC-------ATTGTCTATG---ATATTGCTCA
         : :   ::    ::: : :: : :::  :        :: ::: :::   : :: : :
        TTTAATTACT---TACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTAT
        3680        3690        3700        3710        3720        3730

        2990      3000        3010        3020
649550  GGTAAATCTGAAGTA--TCTGCTGAAACTGAAAT--TCAA------------------T
         :::     :: ::   ::  ::::: :: ::::  ::::                   :
        TTTAAGA---AACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGT
         3740        3750        3760        3770        3780        3790

        3030      3040
649550  TTTAAGACCTCCCTGTGGTAA-----
         ::::     : :   :::      ::
        TTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAA
             3800        3810
```